

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2003 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: August 19, 2003, 09:37:35 ; Search time 6189 Seconds

(without alignments)
12039.761 Million cell updates/sec

Title: US-09-494-297-1

Perfect score: 2274

Sequence: 1 atgaataaaacaagtttc.....ggataagaataacatgactag 2274

Scoring table:

IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 32997241 seqs, 16383922548 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 65994482

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

Pending_Patents_NA_Main:*

- 1: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCrus.COMB.seq.*
- 2: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCrus.COMB.seq.*
- 3: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US06.COMB.seq.*
- 4: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US07.COMB.seq.*
- 5: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US08.COMB.seq.*
- 6: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US081.COMB.seq.*
- 7: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US082.COMB.seq.*
- 8: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US083.COMB.seq.*
- 9: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US084.COMB.seq.*
- 10: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US085.COMB.seq.*
- 11: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US086.COMB.seq.*
- 12: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US087.COMB.seq.*
- 13: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US088.COMB.seq.*
- 14: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US089.COMB.seq.*
- 15: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US090.COMB.seq.*
- 16: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US091.COMB.seq.*
- 17: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US092.COMB.seq.*
- 18: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US093.COMB.seq.*
- 19: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US094.COMB.seq.*
- 20: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US095.COMB.seq.*
- 21: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US096.COMB.seq.*
- 22: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US097.COMB.seq.*
- 23: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US098.COMB.seq.*
- 24: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US099.COMB.seq.*
- 25: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US100.COMB.seq.*
- 26: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US101.COMB.seq.*
- 27: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US102.COMB.seq.*
- 28: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US103.COMB.seq.*
- 29: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US104.COMB.seq.*
- 30: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US105.COMB.seq.*
- 31: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US106.COMB.seq.*
- 32: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US107.COMB.seq.*
- 33: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US108.COMB.seq.*
- 34: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US109.COMB.seq.*
- 35: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US110.COMB.seq.*
- 36: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US111.COMB.seq.*
- 37: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US112.COMB.seq.*
- 38: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US113.COMB.seq.*
- 39: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US114.COMB.seq.*
- 40: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US115.COMB.seq.*
- 41: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US116.COMB.seq.*
- 42: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US117.COMB.seq.*
- 43: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US118.COMB.seq.*

SUMMARIES				
Result	No.	Score	Query Match	Length DB ID
1	2274	100.0	2274	21 US-09-494-297-1
2	720.8	31.7	2229	21 US-09-494-297-3
3	60	2.6	1095	44 US-10-015-127-1938
4	58.8	2.6	535	31 US-09-705-926-16876
Description				
Sequence 1, Appl1				
Sequence 3, Appl1				
Sequence 1938, Ap				
Sequence 16876, A				

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.


```
QY 1201 AGCGTTTAACTACACAAAACCTAATGCAAAATTTTATATGCAAAAAATGAGAGT 1260
DB 1201 AGCGTTTAACTACACAAAACCTAATGCAAAATTTTATATGCAAAAAATGAGAGT 1260
QY 1261 TCACAGGTTGCTATATGCTTTAATGACATCTAAATGCTCCACGACCTGTAATGCT 1320
DB 1261 TCACAGGTTGCTATATGCTTTAATGACATCTAAATGCTCCACGACCTGTAATGCT 1320
QY 1321 GGGAAACAAATGACTCCAGACTTTTCAACAGAGAGTAATATACATCTATTCAGGT 1380
DB 1321 GGGAAACAAATGACTCCAGACTTTTCAACAGAGAGTAATATACATCTATTCAGGT 1380
QY 1381 CGTGACCTTTTAAATATAGTGTGAACCAAGAGATACCGATCCGACACTTTCTAAA 1440
DB 1381 CGTGACCTTTTAAATATAGTGTGAACCAAGAGATACCGATCCGACACTTTCTAAA 1440
QY 1441 CATATCAAAAAAGTAATGAGAGGTTACAGGAAAAAGCAAGCTATTGAGTATAGT 1500
DB 1441 CATATCAAAAAAGTAATGAGAGGTTACAGGAAAAAGCAAGCTATTGAGTATAGT 1500
QY 1501 GGTCTAACTAGACAAATTCGTCGCGCTACTCAGTACAAATATATTTTCACTGAT 1560
DB 1501 GGTCTAACTAGACAAATTCGTCGCGCTACTCAGTACAAATATATTTTCACTGAT 1560
QY 1561 AGTGTGAATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAG 1620
DB 1561 AGTGTGAATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAG 1620
QY 1621 AGTGTGAATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAG 1680
DB 1621 AGTGTGAATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAG 1680
QY 1681 CTAACTGACCTTGATTTCTTATTCGCAATTAATCAATTAATCAATTTTGAAGT 1740
DB 1681 CTAACTGACCTTGATTTCTTATTCGCAATTAATCAATTAATCAATTTTGAAGT 1740
QY 1741 CAGTGCATCCAGAGATTTAGTATTAATTCGATGAGAGATTAAGATTAAGATTTA 1800
DB 1741 CAGTGCATCCAGAGATTTAGTATTAATTCGATGAGAGATTAAGATTAAGATTTA 1800
QY 1801 CCGTAACTCAATTAATTAACATTTGAGAAAAAGGTCGATGTTTACGTCGACAACT 1860
DB 1801 CCGTAACTCAATTAATTAACATTTGAGAAAAAGGTCGATGTTTACGTCGACAACT 1860
QY 1861 AAAGTTTCCATTTTGAATTTGAATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTTCTCAACT 1920
DB 1861 AAAGTTTCCATTTTGAATTTGAATTAAGATTAAGATTAAGATTTCTCAACT 1920
QY 1921 GTTAAACAGATTAAGATTAAGATTTAAGATTTAAGATTTAAGATTTAAGATTTA 1980
DB 1921 GTTAAACAGATTAAGATTTAAGATTTAAGATTTAAGATTTAAGATTTAAGATTTA 1980
QY 1981 CATGGGAAAGTTTAACTCAAGCTTACAGAGGTTATTTCTTACCTTGTCAAGAA 2040
DB 1981 CATGGGAAAGTTTAACTCAAGCTTACAGAGGTTATTTCTTACCTTGTCAAGAA 2040
QY 2041 ACAATTTCTGAAGCTATTAAGGTTAATTAAGTCCAGAGATTAAGATTTCAAGTT 2100
DB 2041 ACAATTTCTGAAGCTATTAAGGTTAATTAAGTCCAGAGATTAAGATTTCAAGTT 2100
QY 2101 TCAAAAAACAGATTAAGATTTAAGATTTAAGATTTAAGATTTAAGATTTAAGATTT 2160
DB 2101 TCAAAAAACAGATTAAGATTTAAGATTTAAGATTTAAGATTTAAGATTTAAGATTT 2160
QY 2161 GTTCTTACAGAGATTTGATCAAAAGATCAATGCTATCTAGCTTGAATGCTCTGCT 2220
DB 2161 GTTCTTACAGAGATTTGATCAAAAGATCAATGCTATCTAGCTTGAATGCTCTGCT 2220
QY 2221 ATCAGTTTGGGATCTGGGAAATTCACACGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTA 2274
DB 2221 ATCAGTTTGGGATCTGGGAAATTCACACGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTA 2274
```

```
RESULT 2
US-09-494-297-3
; Sequence 3, Application US/09494297
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: PODBIELSKI, ANDREAS
; TITLE OF INVENTION: COLLASEN-BINDING PROTEINS FROM STREPTOCOCCUS PYOGENES
; FILE REFERENCE: P0662850/BAS
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/494,297
; CURRENT FILING DATE: 2000-01-31
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 4
; SOFTWARE: Patencin Ver. 2.0
; SEQ ID NO 3
; LENGTH: 2229
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Streptococcus pyogenes
US-09-494-297-3

Query Match
Best Local Similarity 31.7%; Score 720.8; DB 21; Length 2229;
Matches 1372; Conservative 0; Mismatches 787; Indels 69; Gaps 11;

QY 61 AAAAATCTAAAAAGATTTACTGTCTCACTTATGAGGAGCTTTTATGATCTTCGCTTGG 120
DB 40 AACAAACGACGCAAAACGACGATCGGATTTACTGAAGATTTTGTACGTTTACTGCTG 99
QY 121 GTAATTCATGCTGTTGCTGCTAAGACTGTTTGTGTTAGTGAATCCTCGACGCCAANC 180
DB 100 ATAGGAATTAAGAGGCTTTCTATCAGAGGCTTCGAGGCAAGCAATCACTACCAA- 158
QY 181 GCAATTAATTCAGATTTCAAGATTCAGATTCAGATTCAGATTCAGATTCAGATTCAG 240
DB 159 -----TAGCAAAAGCTCAATTTCAAGATTTCAAGATTTCAAGATTTCAAGATTTCA 213
QY 241 GGCATCCATATTAATTAACAGTTTAAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAG 300
DB 214 GGCATCCAGATTAATTAAGATTTCAAGATTTCAAGATTTCAAGATTTCAAGATTTCA 273
QY 301 AGTAAAGATTAATCAAGTTTATGCTTATTAATTAAGATTAAGATTTTCTCGATCAAGT 360
DB 274 AGTAAAGATTAATCAAGTTTATGCTTATTAATTAAGATTTCAAGATTTCAAGATTTCA 333
QY 361 AGTAAAGATTAATCAAGTTTATGCTTATTAATTAAGATTTCAAGATTTCAAGATTTCA 420
DB 334 AGTAAAGATTAATCAAGTTTATGCTTATTAATTAAGATTTCAAGATTTCAAGATTTCA 393
QY 421 GCGATGACCCATGAATTAACGAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTTATGAT 480
DB 394 GCAGATTAACCAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTTATGAT 453
QY 481 AATGACATCCCAAAATGCTCAATGCTATTAATTAAGATTAAGATTTGGAACCTTGATCTATC 540
DB 454 AATGATATCTCAAAATGCTCAATGCTATTAATTAAGATTAAGATTTGGAACCTTGAT 513
QY 541 AGATTTAACAAGAGGCGGTATGATTAATTCGATTAATTCGATTAATTCGATTAATTCG 600
DB 514 TTAGTACTCAAAATGCTATTTTGTGA-----TACTGATTAAGCTCAAAATTAATTCG 567
QY 601 GAAAGTTTAAAGAGGATTCAGAAAGTAACTGTTAGTAACTTCAATTTATCTTGTGATG 660
DB 568 GAAAGTTTAAAGAGGATTCAGAAAGTAACTGTTAGTAACTTCAATTTATCTTGTGATG 627
QY 661 GGTCAAGCTTTGAGCAACATGATTTGATCCGAATTTGGCACTTAATAATGCCAACAAGT 720
DB 628 CGAAAGCTTTAAAGAACTAATGATCCAAACTTAAGGCTCAAAATATTCGAATTAAGT 687
QY 721 CCGGATGATTTTCAAGTAAATTTTGAATTTGATGCTGAGCAAGGAGGATTAATTAATTA 780
DB 688 CCATGAGTTATCGGTTAAATGATTAATTAATTCATGATTAAGCTT----- 732
QY 781 GGAATACCAAAATCTTTGATGCTGCTGTTAGTCCCTACTTAACCAACCACTCAGAGAC 840
DB 733 ---TTCAAAATCTTTTGAATGCTGATGATGATGCTCCGATTAATCCGCCCAAAACAGAGAA- 788
```

QY	841	CCACCACATGCGCCCAAAATCAACGCTCAACGACGCTTACAGTACTATTAGAAAGATATGCTATA	900
Dd	789	-----AGAGCCTCCGGCTTAATACGTAAAAACATCAGTCATTATCAAGAAAAATTATGCGGAA	843
QY	901	GGTGATTAAGCTCTTAATATGCTTGAAGGTCGCAACATTTACAGTTGACAGAGGGATACGTCGAT	960
Dd	844	GGTG--ACTCTAAACCTCTAGAGGAGCAACCTTAAAGCGTTTCTCAAAATTGAAGGAAGT	900
QY	961	AGTTTCAAGGAGAGGTGTTTACGAGTATGATATTGAGAAAGCAATTTGAACCTATCAGAT	1020
Dd	901	GGTTTTCAGAAAAAGACTTTCAAGAGTAATAGTTTATGAGAAAGCAATGTCGAAATTAACAAAT	960
QY	1021	GGAACTTTATACCTTAAGTAACTGATTTGATCTCCAGCTGGTTATAGATTCGACAGCCAAATC	1080
Dd	961	GGAGCTTATACCTTATACAGAAACATCATCTCCAGATGATATTAATTAATTGGCAGCCGATTT	1020
QY	1081	ACTTTTAAGGTTGAAGCTGCGCAAAAGTATATCTAT--TATTGATGAAAAACAGATTGAA	1137
Dd	1021	AAGTTTAAGTAGAGAAATAAAAAGATATTTATTCGCCAAAAAGATGGTTCTCAAGTGGA	1080
QY	1138	AATCCCATTAAGAAGATAGTAGAGCTTACTACAGTAGAGAGATATTAATGATTTA--GAA	1194
Dd	1081	AATCCCAACAAAGAAATGACAGAGCCATACAGTAGAGAGGCTATTAATGACTTTATGTGAT	1140
QY	1195	GAATTTAGCCGTTTAACTACACAAAACCTATGCCAAATTTTATATGCAAAAAATTAATAAT	1254
Dd	1141	GAAGAAAGTACTCGGGGTTTATTCATCAACGAAATATTCATTTACGCTACAAATTAAGAT	1200
QY	1255	GGAGTTTACAGAGTTTGTCTATTTGCTTTAATGCAATCTTAAATCTCCACCGAGCTCTGAA	1314
Dd	1201	AAAGTTTACAGAGTTGTCTACTGCTCAATCTGATTTTACCTCACCACTCGATCTCATAT	1260
QY	1315	GATGCTGGGAAACAAATGACTCCGACA--CTTTACACAGAGAGAGTAAATATACATCAT	1371
Dd	1261	GATAGTGCTGAGCATATTAATCCAGATATCTAGTACGATGAAAGAAAGTCAATACACACAT	1320
QY	1372	ATTGCAAGTCTGACCTCTTTAAATATATCTGTAAGAACCAAGATATCCGATCTTGACACT	1431
Dd	1321	ACGGCAGGTATGACTGTGTTTAAATATGCGCTAAGACCGAAGATATCAAACTCCAGAAGAC	1380
QY	1432	TTCTTAAACATATCAAAAAAGTAATGAGAGGGTTACAGAGAAAAAGGCAAGCATAT	1491
Dd	1381	TTCTTAAAGCACTTAAAAAAAGTATATGAAAAAGGCTACAGAAAAAAG-----TGAT	1434
QY	1492	GAGTATAGTGTCTACTGACAGACAAATTCGGTCGGCTACTACAGTTAGCAATATATTAT	1551
Dd	1435	AGCATATATGATTAATGATTAAGAAACACAGTTTGGCGGCTACTACAGTTGCTATCTATTAT	1494
QY	1552	TTCACTGATATGCTGGAATTAGA-----TAAAGATAAACTAAAGACTATCAT	1599
Dd	1495	TTTACAGCACTGCTGACTTAAAAACCTTAAAACTTATTAACAATGGGAAAGGTTTACAT	1554
QY	1600	GGTTTGGAGACATGAATGATAGTACTTTAGACAGTCTGTAATAACCTTGTAGAAATACGCT	1659
Dd	1555	GGATTTGATCTATGATGATGAAAAAACCTGACTGTCACAAAAGAAATTAATTACTATTGCT	1614
QY	1660	CAAAATAGTAATCTCTCCACAGCTTACGACCTGATTTCTTTATTCGGAATACATATAA	1719
Dd	1615	CAAAATGGCACTGCCCCCACTCAACAAATCTTATTTCTTCGTCGATTAATTAATAGCAAA	1674
QY	1720	TATCAATCTCTTATTTGGAAGTCACTGGGACTCCAAAGATTTATAGTGAATATATCGTATG	1779
Dd	1675	GACCAATCTCTTATTTGGGACAGAAATGCCATCAAGATGATTTGGTTGACGCGATTCGTATG	1734
QY	1780	GAAGATAAAA--AAGAAATTAATCTCTAATCTATCAATTAATTTAACATTGAGAAAAACGGTG	1836
Dd	1735	GAAGATAAAAAGCAAGAAATTAATCCAGTAATCTACAGTTTGGACAGTGAAAAAACAGTA	1794
QY	1837	ACTGCTTTAGCTGGTGACAGAACTTAAGATTTCCATTTTGAATTTGAATTTAAAAATTAAT	1896
Dd	1795	GTGCGGTAGTTGGGAGATTAACCTTAAGAGGCTTCCAAATTTGAACTTTGAGTTGAAAGATAA	1854

QY	1897	AAGCAGAAATTCGTTTCCCAACGCTGTTAAACAGTAAACAAACCTCGAATTTAAAGAT	1956
Db	1855	ACTGCACAGCCTATTGTGTAACTCTAAACCTAATAATCAAGATTTTAGTACTAAAGAT	1914
QY	1957	GGTAAGACACCATTAATTTAAACATGCGGGGAAAGTTTAAACCTTCAAGGTTTACAGAA	2016
Db	1915	GGGAAATATCTATTAAATCTAAACGATGCTACACCAATAAAGATTAAGGATTTACCGACG	1974
QY	2017	GGTATTCTTCACTTTCCTCAAGAAACAGATTCTGAAGCTATTAAAGTTAAATTAAC	2076
Db	1975	GGATATCTCTTACTCTGAAAGAGCTGACACTTAAGCTTATTAATGAACCTGTGATTAAC	2034
QY	2077	CAGAAGTAGCAAAATGCTACAGCTTTCAAAAACAGAAATTAACAGTGTGACACTTGCCT	2136
Db	2035	AAAGTTACTCAAGAACGCCACTGACTAGATTAAGATTAACAGAAAGCAAAAAGTCACT	2094
QY	2137	TTTGAAATAATTAAGAACCCCTGTTGCTCTACAGAGTTGATCAAAAGATCAATGCGTAT	2196
Db	2095	TTTGAAAAACCGAAAGATCTTGCCACCAACTGTTTGAACACAGATGGGGTATCTAT	2154
QY	2197	CTAGCTTTGATAGTTATCGCTGATATCAGTTTGGGGATCTGGGGAATTCACAGATTAAG	2256
Db	2155	CTTTGGTGTATTACTCTGTTCCACTGGGGTTATTTGGCTATTGCTGTAAAGG	2214
QY	2257	ATAAGAAA 2264	
Db	2215	TTAAAAAAA 2222	
RESULT 3			
US-10-015-127-1938			
: Sequence 1938, Application US/10015127			
: GENERAL INFORMATION:			
: APPLICANT: Bower, Stanley G.			
: APPLICANT: Hinkle, Gregory J.			
: APPLICANT: Slater, Steven C.			
: TITLE OF INVENTION: Sphingomonas elodea genome sequences and uses thereof			
: FILE REFERENCE: 38-10115806B			
: CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/015,127			
: CURRENT FILING DATE: 2001-10-29			
: PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/252,455			
: PRIOR FILING DATE: 2000-11-22			
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 14357			
: SEQ ID NO 1938			
: LENGTH: 1095			
: TYPE: DNA			
: ORGANISM: Sphingomonas elodea			
: FEATURE:			
: NAME/KEY: unsure			
: LOCATION: (1)..(1095)			
: OTHER INFORMATION: unsure at all n locations			
US-10-015-127-1938			
Query Match			
Best Local Similarity 46.0%; Score 60; DB 44; Length 1095;			
Matches 174; Conservative 0; Mismatches 204; Indels 0; Gaps 0;			
QY	1776	TATGGAAGATTAATAAAGAGTTATACCTGTATACATCAATTTAAGATTGAGAAAAAGCT	1835
Db	631	TAATAAAAAATTAATTAATTAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATTAATAAAAAATNAAT	690
QY	1836	GACGTGTTTGTAGCTGTGACAGAACTAAGAATTTCCATTTTGAATTTGAATTAATAATAA	1895
Db	691	AATTTNAATATTTAAAAATTAANTTTTAAANNAANNAATTTAATTAATAATTTTAAAAA	750
QY	1896	TAAACAGAAATTCGCTTCTCAAACTGTTTAAACAGATTAATAAACAACCTCGAATTTAAGA	1955
Db	751	TAAAAAATAAAAAATTAATAAATAAATAAAAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATA	810
QY	1956	TGTTAAAGCAACCTTAATTTAATAACATGGGGAAGTTTAAACCTTAAGCTTTACCAGA	2015
Db	811	ATATNNAAAAATTAATAATTAATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA	870

RESULT 5
US-09-837-604A-77902
Sequence 77902, Application US/09837604A
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Byrum, Joseph R.
APPLICANT: La Rosa, Thomas J.
APPLICANT: Shukla, Hridayaharanjan
APPLICANT: De La Pena, Robert C.
APPLICANT: Bougrl, Olegs

```

RESULT 6
US-09-837-604B-77902
: Sequence 77902, Application US/09837604B
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: Byrum, Joseph R.
: APPLICANT: La Rosa, Thomas J.
: APPLICANT: Shukla, Hridayabhiranjan
: APPLICANT: De la Pena, Robert C.
: APPLICANT: Bougri, Olegs
: TITLE OF INVENTION: Nucleic Acid Molecules And Other Molecules Associated With
: TITLE OF INVENTION: Plants
: FILE REFERENCE: 38-21(51892)B
: CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/837,604B
: CURRENT FILING DATE: 2001-04-18
: PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/197,872
: PRIOR FILING DATE: 2000-04-19
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 81288
: SEQ ID NO 77902
: LENGTH: 425
: TYPE: DNA
: ORGANISM: Oryza sativa nipponbare
: FEATURE:
: OTHER INFORMATION: Clone ID: LIB3599-006-Q1-K1-G11
: US-09-837-604B-77902

```

Query Match	2.68;	Score 58.2;	DB 35;	Length 425;
Best Local Similarity	48.48;	Pred. No. 0.083;		
Matches 162;	Conservative 0;	Mismatches 173;	Indels 0;	Gaps 0;

OTHER INFORMATION: unsure at all n locations
US-10-015-127-2421

Query Match 2.5%; Score 57.6; DB 44; Length 1368;
Best Local Similarity 43.6%; Pred. No. 0.16;
Matches 350; Conservative 0; Mismatches 450; Indels 3; Gaps 2;

1179 ATATATGATTTTGGAGATTTAGGTTTAACTACACAAAAGTATGCAAAATTTTATTA 1238
149 AATATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 208
1239 TCGAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1298
209 AATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 268
1239 TCCACCGACTCTGAGATGGTGGAAAAAGTACCTGACCTTACACAGGAGAGT 1358
269 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 328
1359 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1418
329 AATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 388
1419 CGATCTGACACTTCTTAAACATATCAAAAAAGTAAATGAGAGGTTACAGGAAA 1478
389 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 447
1479 AGGACAGCTTTGAGTATGCTGCTACAGACAAATGCGTGGCTACTCAGT 1538
448 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 507
1539 AGCATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1598
508 AATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 567
1599 TGGTTTGGAGACATGA--ATGATATGACTTTAGCAGTTGCTAAATCCCTTGAGATAC 1656
568 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 627
1657 GCTCAAGTATGATCCCTCCACAGCTAACCTGCTGTTCTTATTCGCAATTAACAT 1716
628 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 687
1717 AATATCAATCTCTTATGAGACTCAGTGCATCCAGAGATTTAGTATGATATTTGCT 1776
688 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 747
1777 ATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1836
748 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 807
1837 ACTGTTTACGCTGTCAGACATTAAGATTTCCATTTTGAATTTGAATTAATTAAT 1896
808 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 867
1897 AAGCAAGATTTGCTTTCAGACTGTTAAACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1956
868 ATACAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 927
1957 GGTAAAGCAACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1979
928 TATTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 950

RESULT 10
US-10-266-090-31494/c

Sequence 31494, Application US/10266090
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: BONAN, STEPHEN
APPLICANT: COLBERT, MICHELLE
APPLICANT: WANG, RONG-LIN
TITLE OF INVENTION: CEREAL TRINUCLEOTIDE SIMPLE SEQUENCE

TITLE OF INVENTION: REPEAT MARKERS AND THEIR USES
FILE REFERENCE: NAD1.058C1
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/266,090
CURRENT FILING DATE: 2002-10-03
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 10/260,703
PRIOR FILING DATE: 2002-09-26
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/326,117
PRIOR FILING DATE: 2001-09-26
NUMBER OF SEQ ID NOS: 51812
SOFTWARE: FASTSEQ for Windows Version 4.0
SEQ ID NO 31494
TYPE: DNA
LENGTH: 1288
ORGANISM: TRITICUM AESTIVUM
FEATURE:
NAME/KEY: misc_feature
LOCATION: (1)...(1288)
OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
US-10-266-090-31494

Query Match 2.5%; Score 57.2; DB 49; Length 1288;
Best Local Similarity 40.3%; Pred. No. 0.19;
Matches 152; Conservative 0; Mismatches 225; Indels 0; Gaps 0;

1777 ATGAGAGTAAAGAAAGTATACCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1836
553 AANNAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 494
1837 ACTGTTTACGCTGTCAGACAGAACTTAAGATTTCCATTTTGAATTTGAATTAATTAAT 1896
493 AAAAACTAAANNAANNAACANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNA 434
1897 AAGCAAGATTTGCTTTCAGAACTTTAAACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1956
433 AAAAAAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNA 374
1957 GGTAAAGCAACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2016
373 NNATTAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNA 314
2017 GGTATTTCTTACCTTGTCAAGAAACAGATTTCTGAAGCTTAAGTTAAAGTTAATG 2076
313 TTAATAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 254
2077 CAGAGATGAGAAAGCTACAGTTTCAAAAACAGAAATTAACAGATGAGACACTTCT 2136
253 NNANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNAANNN 194
2137 TTGAAATTAATTAAGA 2153
193 AAAAAANNAANNAANNA 177

RESULT 11
PCT-US99-26796-392

Sequence 392, Application PC/TUS9926796
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: United States Government as Represented by the
APPLICANT: Secretary of the Navy
TITLE OF INVENTION: Chromosome 2 Sequence of Human Malaria Parasite
TITLE OF INVENTION: Plasmodium Falciparum and Proteins of Said
TITLE OF INVENTION: Chromosome Useful in Anti-malarial Vaccines and
TITLE OF INVENTION: Diagnostic Reagents
FILE REFERENCE:
CURRENT APPLICATION NUMBER: PCT/US99/26796
CURRENT FILING DATE: 1999-11-05
NUMBER OF SEQ ID NOS: 420
SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
SEQ ID NO 392
LENGTH: 4677
TYPE: DNA
ORGANISM: Plasmodium falciparum
PCT-US99-26796-392

Query Match 2.5%; Score 56.6; DB 1; Length 4677;
 Best Local Similarity 43.5%; Pred. No. 0.37;
 Matches 416; Conservative 0; Mismatches 529; Indels 12; Gaps 3;

QY 1084 TTTAAGGTGAAGTGGCAAGGTATATCTATTATGATGAAAACAGATTGAAATCCC 1143
 DB 3256 TCTGATTTAAAGATCTTGAAGAGATATTTAAAGACGTAAAGAAATCAAGAACTT 3315
 QY 1144 AATAAGAGATAGTAGAGCCCTTACTCTGATGAAGCATATATGTTTGAAGATTAGC 1203
 DB 3316 GAAAGTGAATTTTAGAGATTTTAAAGATTTAAAGACTTTGACACAGATATTTTGA 3375
 QY 1204 GTTTAACTACACAAAATCTATGCAAAATTTTATATGCAAAAATTAATAATGAACTTCA 1263
 DB 3376 GAGAAAAAGAAATAGAAAAAGATTCATTTGAAAAATTCAGAGAGAGCTGAAGAAATA 3435
 QY 1264 CAGGTGCTATTTGCTTTAATGCAATCTAAATCTCCACACACTCTGAGATGTGGG 1323
 DB 3436 AAGATCTTGACAGATATATTTAAAGAGATCTTCAATTAAGATTGAAGAAATA 3495
 QY 1324 AAAACATGACTCCAGCTTTACACAGAGAGTAATAATACACTCATATATGACGTGCT 1383
 DB 3496 AATTTAGAGAGTACAGATTTAAAGAGAGGTAGAA-----CATATATTAAGTGT 3549
 QY 1384 GACCTCTTTAATATCTGTAACCAAGAGATACCGATCTGACACTTTCTTAAACAT 1443
 DB 3550 GATGCCGATTTAAAGTTTGAAGAGATGATTTAGAAAGATAGATTTTAAAGAA 3609
 QY 1444 ATCAAAAAATTAATGCAAGGTTTACAGGAAAAAGACAGCTATTGATAGTGT 1503
 DB 3610 AGTATTTAGACATGTTAAAGAGATGTGAATTTAGGGATATGATTAAGAAAGTTTA 3669
 QY 1504 CTAACTGAGACAAATTCCTGCGGCTACTCAGTTACATATATTTTCACTGATAGT 1563
 DB 3670 GAAAGTGTACACCAAACTTTGAGAAAGAGTTGATCTTAAAGATGTTTATCTAGT 3729
 QY 1564 GCTGAATTAAGATTAAGTAACTAAAGACTATCATGTTTGGAGACATGAATGATAGT 1623
 DB 3730 GC---ATTAGCATGATGAAGAAACAAATGAAACAAAGAAAGTCAAAAGCTTAA 3786
 QY 1624 ACTTTAGCATGCTGTAATCTTTGTAATAGCTTCAAGTACTTAATCTCCACAGCTA 1683
 DB 3787 TTGGAAGAGATATTAATTAAGAGAGTTTAAAGAACCAAGAAATTAATACAAA 3846
 QY 1684 ACTGACCTGATTTCTTATTCGAAATTAACATTAATATCAATCTTATTTGAACTCAG 1743
 DB 3847 AAGAAAGTAAAGTTTGTATTAAGATTAAGAACCAAGATGAATATAGTAAAGTTGAA 3906
 QY 1744 TGGCATCCAGAGATTTAGTTGATATTTCTATGGAAGATTAATAAAGAGTTTACT 1803
 DB 3907 ATGAAGATGAAGATTAAGATTAAGATTAAGAAAGATGTAGAGAGATTAAGAGAA 3966
 QY 1804 GTAACTCATTAATTAACATTGAGAAAAAGCGTACTGCTTACGTGTCAGAACTTAA 1863
 DB 3967 GATTAAGTTGAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAG 4026
 QY 1864 GATTTCATTTGAAATTTGAATTAATAATTAAGCAAGATTTGCTTTTCAAGCTGT 1923
 DB 4027 GACAAAGATGAATTTAGATTTATTAATGTCACAAAAGAGACGATG---TAAAGCTT 4083
 QY 1924 AAAACAGATTAACAACTCGAATTTAAAGATGTAAGCAACCATTAATTAATTAAT 1983
 DB 4084 AAGAGAAAAAGAAAAATTAAGAAAAAGTTGAAGAGGTGTGTGTCTTAAAAA 4143
 QY 1984 GGGGAAAGTTTAACTCTCAAGTTTACCAAGAGTTTATCTTCACTGTCAAGAA 2040
 DB 4144 CAGGTAGACGAGATTAATGAATATGTTCAAAAAATTTGATTAAGAGTTGATTAAGAA 4200

RESULT 12
 PCT-US99-26796-392
 ; Sequence 392, Application PC/TUS9926796

GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: United States Government as Represented by the
 APPLICANT: Secretary of the Navy
 TITLE OF INVENTION: Chromosome 2 Sequence of Human Malaria Parasite
 TITLE OF INVENTION: Plasmodium falciparum and Proteins of Said
 TITLE OF INVENTION: Chromosome Useful in Anti-malarial Vaccines and
 FILE REFERENCE: Diagnostic Reagents
 CURRENT APPLICATION NUMBER: PCT/US99/26796
 CURRENT FILING DATE: 1999-11-05
 NUMBER OF SEQ. ID NOS: 420
 SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
 SEQ. ID NO 392
 LENGTH: 4677
 TYPE: DNA
 ORGANISM: Plasmodium falciparum
 PCT-US99-26796-392

Query Match 2.5%; Score 56.6; DB 2; Length 4677;
 Best Local Similarity 43.5%; Pred. No. 0.37;
 Matches 416; Conservative 0; Mismatches 529; Indels 12; Gaps 3;

QY 1084 TTTAAGGTGAAGTGGCAAGGTATATCTATTATGATGAAAACAGATTGAAATCCC 1143
 DB 3256 TCTGATTTAAAGATCTTGAAGAGATATTTAAAGACGTAAAGAAATCAAGAACTT 3315
 QY 1144 AATAAGAGATAGTAGAGCCCTTACTCTGATGAAGCATATATGTTTGAAGATTAGC 1203
 DB 3316 GAAAGTGAATTTTAGAGATTTTAAAGATTTAAAGACTTTGACACAGATATTTTGA 3375
 QY 1204 GTTTAACTACACAAAATCTATGCAAAATTTTATATGCAAAAATTAATAATGAACTTCA 1263
 DB 3376 GAGAAAAAGAAATAGAAAAAGATTCATTTGAAAAATTCAGAGAGAGCTGAAGAAATA 3435
 QY 1264 CAGGTGCTATTTGCTTTAATGCAATCTAAATCTCCACACACTCTGAGATGTGGG 1323
 DB 3436 AAGATCTTGACAGATATATTTAAAGAGATCTTCAATTAAGATTGAAGAAATA 3495
 QY 1324 AAAACATGACTCCAGCTTTACACAGAGAGTAATAATACACTCATATATGACGTGCT 1383
 DB 3496 AATTTAGAGAGTACAGATTTAAAGAGAGGTAGAA-----CATATATTAAGTGT 3549
 QY 1384 GACCTCTTTAATATCTGTAACCAAGAGATACCGATCTGACACTTTCTTAAACAT 1443
 DB 3550 GATGCCGATTTAAAGTTTGAAGAGATGATTTAGAAAGATAGATTTTAAAGAA 3609
 QY 1444 ATCAAAAAATTAATGCAAGGTTTACAGGAAAAAGACAGCTATTGATAGTGT 1503
 DB 3610 AGTATATTAACATGTTAAAGAGATGTGAATTTAGGGATATGATTAAGAAAGTTTA 3669
 QY 1504 CTAACTGAGACAAATTCCTGCGGCTACTCAGTTACATATATTTTCACTGATAGT 1563
 DB 3670 GAAAGTGTACACCAAACTTTGAGAAAGAGTTGATCTTAAAGATGTTTATCTAGT 3729
 QY 1564 GCTGAATTAAGATTAAGTAACTAAAGACTATCATGTTTGGAGACATGAATGATAGT 1623
 DB 3730 GC---ATTAGCATGATGAAGAAACAAATGAAACAAAGAAAGTCAAAAGCTTAA 3786
 QY 1624 ACTTTAGCATGCTGTAATCTTTGTAATAGCTTCAAGTACTTAATCTCCACAGCTA 1683
 DB 3787 TTGGAAGAGATATTAATTAAGAGAGTTTAAAGAACCAAGAAATTAATACAAA 3846
 QY 1684 ACTGACCTGATTTCTTATTCGAAATTAACATTAATATCAATCTTATTTGAACTCAG 1743
 DB 3847 AAGAAAGTAAAGTTTGTATTAAGATTAAGAACCAAGATGAATATAGTAAAGTTGAA 3906
 QY 1744 TGGCATCCAGAGATTTAGTTGATATTTCTATGGAAGATTAATAAAGAGTTTACT 1803
 DB 3907 ATGAAGATGAAGATTAAGATTAAGATTAAGAAAGATGTAGAGAGATTAAGAGAA 3966
 QY 1804 GTAACTCATTAATTAACATTGAGAAAAAGCGTACTGCTTACGTGTCAGAACTTAA 1863
 DB 3967 GATTAAGTTGAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAG 4026

